<110> FOSTER, Timothy

<120> POLYPEPTIDES AND POLYNUCLEOTIDES FROM COAGULASE-NEGATIVE STAPHYLOCOCCI

<130> P06335US03/BAS

<140> 10/615,383
<141> 2003-07-09

<150> 09/386,962
<151> 1999-08-31

<150> 60/098,443
<151> 1998-08-31

<150> 60/117,119
<151> 1999-01-25

<160> 40

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1
<211> 5406
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(5406)
<223>

<400> 1
```
tat tgg ata aat tat gct tat aaa gta ttt aca taa aaa tgt aaa tgc      48
Tyr Trp Ile Asn Tyr Ala Tyr Lys Val Phe Thr     Lys Cys Lys Cys
1               5                   10                      15

aat tta caa gta aat att caa att att tcc ttg taa aat att tat ttt      96
Asn Leu Gln Val Asn Ile Gln Ile Ile Ser Leu     Asn Ile Tyr Phe
                20                  25                      30

aac tgg agg tat agt atg aaa aag aga aga caa gga cca att aac aag     144
Asn Trp Arg Tyr Ser Met Lys Lys Arg Arg Gln Gly Pro Ile Asn Lys
                35                  40                  45

aga gtg gat ttt cta tcc aac aag gta aac aag tac tcg att agg aag     192
Arg Val Asp Phe Leu Ser Asn Lys Val Asn Lys Tyr Ser Ile Arg Lys
            50                  55                  60

ttc aca gta ggt aca gct tca ata ctc gtg ggt gct acg tta atg ttt     240
Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile Leu Val Gly Ala Thr Leu Met Phe
            65                  70                  75
```

```
ggt gcc gca gac aat gag gct aaa gcg gct gaa gac aat caa tta gaa          288
Gly Ala Ala Asp Asn Glu Ala Lys Ala Ala Glu Asp Asn Gln Leu Glu
    80                      85                  90

tca gct tca aaa gaa gaa cag aaa ggt agt cgt gat aat gaa aac tca          336
Ser Ala Ser Lys Glu Glu Gln Lys Gly Ser Arg Asp Asn Glu Asn Ser
95                      100                 105                 110

aaa ctt aat caa gtc gat tta gac aac gga tca cat agt tct gag aaa          384
Lys Leu Asn Gln Val Asp Leu Asp Asn Gly Ser His Ser Ser Glu Lys
                115                 120                 125

aca aca aat gta aac aat gca act gaa gta aaa aaa gtt gaa gca cca          432
Thr Thr Asn Val Asn Asn Ala Thr Glu Val Lys Lys Val Glu Ala Pro
                130                 135                 140

acg aca agt gac gta tct aag cct aaa gct aat gaa gca gta gtg acg          480
Thr Thr Ser Asp Val Ser Lys Pro Lys Ala Asn Glu Ala Val Val Thr
                145                 150                 155

aat gag tca act aaa cca aaa aca aca gaa gca cca act gtt aat gag          528
Asn Glu Ser Thr Lys Pro Lys Thr Thr Glu Ala Pro Thr Val Asn Glu
    160                 165                 170

gaa tca ata gct gaa aca ccc aaa acc tca act aca caa caa gat tcg          576
Glu Ser Ile Ala Glu Thr Pro Lys Thr Ser Thr Thr Gln Gln Asp Ser
175                 180                 185                 190

act gag aag aat aat cca tct tta aaa gat aat tta aat tca tcc tca          624
Thr Glu Lys Asn Asn Pro Ser Leu Lys Asp Asn Leu Asn Ser Ser Ser
                195                 200                 205

acg aca tct aaa gaa agt aaa aca gac gaa cat tct act aag caa gct          672
Thr Thr Ser Lys Glu Ser Lys Thr Asp Glu His Ser Thr Lys Gln Ala
                210                 215                 220

caa atg tct act aat aaa tca aat tta gac aca aat gac tct cca act          720
Gln Met Ser Thr Asn Lys Ser Asn Leu Asp Thr Asn Asp Ser Pro Thr
            225                 230                 235

caa agt gag aaa act tca tca caa gca aat aac gac agt aca gat aat          768
Gln Ser Glu Lys Thr Ser Ser Gln Ala Asn Asn Asp Ser Thr Asp Asn
    240                 245                 250

cag tca gca cct tct aaa caa tta gat tca aaa cca tca gaa caa aaa          816
Gln Ser Ala Pro Ser Lys Gln Leu Asp Ser Lys Pro Ser Glu Gln Lys
255                 260                 265                 270

gta tat aaa aca aaa ttt aat gat gaa cct act caa gat gtt gaa cac          864
Val Tyr Lys Thr Lys Phe Asn Asp Glu Pro Thr Gln Asp Val Glu His
                275                 280                 285

acg aca act aaa tta aaa aca cct tct gtt tca aca gat agt tca gtc          912
Thr Thr Thr Lys Leu Lys Thr Pro Ser Val Ser Thr Asp Ser Ser Val
                290                 295                 300

aat gat aag caa gat tac aca cga agt gct gta gct agt tta ggt gtt          960
```

```
Asn Asp Lys Gln Asp Tyr Thr Arg Ser Ala Val Ala Ser Leu Gly Val
    305             310             315

gat tct aat gaa aca gaa gca att aca aat gca gtt aga gac aat tta        1008
Asp Ser Asn Glu Thr Glu Ala Ile Thr Asn Ala Val Arg Asp Asn Leu
    320             325             330

gat tta aaa gct gca tct aga gaa caa atc aat gaa gca atc att gct        1056
Asp Leu Lys Ala Ala Ser Arg Glu Gln Ile Asn Glu Ala Ile Ile Ala
335             340             345             350

gaa gca cta aaa aaa gac ttt tct aac cct gat tat ggt gtc gat acg        1104
Glu Ala Leu Lys Lys Asp Phe Ser Asn Pro Asp Tyr Gly Val Asp Thr
            355             360             365

cca tta gct cta aac aga tct caa tca aaa aat tca cca cat aag agt        1152
Pro Leu Ala Leu Asn Arg Ser Gln Ser Lys Asn Ser Pro His Lys Ser
            370             375             380

gca agt cca cgc atg aat tta atg agt tta gct gct gag cct aat agt        1200
Ala Ser Pro Arg Met Asn Leu Met Ser Leu Ala Ala Glu Pro Asn Ser
            385             390             395

ggt aaa aat gtg aat gat aaa gtt aaa atc aca aac cct acg ctt tca        1248
Gly Lys Asn Val Asn Asp Lys Val Lys Ile Thr Asn Pro Thr Leu Ser
    400             405             410

ctt aat aag agt aat aat cac gct aat aac gta ata tgg cca aca agt        1296
Leu Asn Lys Ser Asn Asn His Ala Asn Asn Val Ile Trp Pro Thr Ser
415             420             425             430

aac gaa caa ttt aat tta aaa gca aat tat gaa tta gat gac agc ata        1344
Asn Glu Gln Phe Asn Leu Lys Ala Asn Tyr Glu Leu Asp Asp Ser Ile
            435             440             445

aaa gag gga gat act ttt act att aag tat ggt cag tat att aga ccg        1392
Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Ile Lys Tyr Gly Gln Tyr Ile Arg Pro
            450             455             460

ggt ggt tta gaa ctt cct gca ata aaa act caa cta cgt agt aag gat        1440
Gly Gly Leu Glu Leu Pro Ala Ile Lys Thr Gln Leu Arg Ser Lys Asp
            465             470             475

ggc tct att gta gct aat ggt gta tat gat aaa act aca aat acg acg        1488
Gly Ser Ile Val Ala Asn Gly Val Tyr Asp Lys Thr Thr Asn Thr Thr
    480             485             490

act tat aca ttt act aac tat gtt gat caa tat caa aat att aca ggt        1536
Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val Asp Gln Tyr Gln Asn Ile Thr Gly
495             500             505             510

agt ttt gat tta att gcg acg cct aag agg gaa aca gca att aag gat        1584
Ser Phe Asp Leu Ile Ala Thr Pro Lys Arg Glu Thr Ala Ile Lys Asp
            515             520             525

aat cag aat tat cct atg gaa gtg acg att gct aac gaa gta gtc aaa        1632
Asn Gln Asn Tyr Pro Met Glu Val Thr Ile Ala Asn Glu Val Val Lys
```

```
aaa gac ttc att gtg gat tat ggt aat aaa aag gac aat aca act aca        1680
Lys Asp Phe Ile Val Asp Tyr Gly Asn Lys Lys Asp Asn Thr Thr Thr
        545                 550                 555

gca gcg gta gca aat gtg gat aat gta aat aat aaa cat aac gaa gtt        1728
Ala Ala Val Ala Asn Val Asp Asn Val Asn Asn Lys His Asn Glu Val
        560                 565                 570

gtt tat cta aac caa aat aac caa aac cct aaa tat gct aaa tat ttc        1776
Val Tyr Leu Asn Gln Asn Asn Gln Asn Pro Lys Tyr Ala Lys Tyr Phe
575                 580                 585                 590

tca aca gta aaa aat ggt gaa ttt ata cca ggt gaa gtg aaa gtt tac        1824
Ser Thr Val Lys Asn Gly Glu Phe Ile Pro Gly Glu Val Lys Val Tyr
            595                 600                 605

gaa gtg acg gat acc aat gcg atg gta gat agc ttc aat cct gat tta        1872
Glu Val Thr Asp Thr Asn Ala Met Val Asp Ser Phe Asn Pro Asp Leu
            610                 615                 620

aat agt tct aat gta aaa gat gtg aca agt caa ttt gca cct aaa gta        1920
Asn Ser Ser Asn Val Lys Asp Val Thr Ser Gln Phe Ala Pro Lys Val
            625                 630                 635

agt gca gat ggt act aga gtt gat atc aat ttt gct aga agt atg gca        1968
Ser Ala Asp Gly Thr Arg Val Asp Ile Asn Phe Ala Arg Ser Met Ala
        640                 645                 650

aat ggt aaa aag tat att gta act caa gca gtg aga cca acg gga act        2016
Asn Gly Lys Lys Tyr Ile Val Thr Gln Ala Val Arg Pro Thr Gly Thr
655                 660                 665                 670

gga aat gtt tat acc gaa tat tgg tta aca aga gat ggt act acc aat        2064
Gly Asn Val Tyr Thr Glu Tyr Trp Leu Thr Arg Asp Gly Thr Thr Asn
            675                 680                 685

aca aat gat ttt tac cgt gga acg aag tct aca acg gtg act tat ctc        2112
Thr Asn Asp Phe Tyr Arg Gly Thr Lys Ser Thr Thr Val Thr Tyr Leu
            690                 695                 700

aat ggt tct tca aca gca cag ggg gat aat cct aca tat agt cta ggt        2160
Asn Gly Ser Ser Thr Ala Gln Gly Asp Asn Pro Thr Tyr Ser Leu Gly
            705                 710                 715

gac tat gta tgg tta gat aaa aat aaa aac ggt gtt caa gat gat gat        2208
Asp Tyr Val Trp Leu Asp Lys Asn Lys Asn Gly Val Gln Asp Asp Asp
        720                 725                 730

gag aaa ggt tta gca ggt gtt tat gtt act ctt aaa gac agt aac aat        2256
Glu Lys Gly Leu Ala Gly Val Tyr Val Thr Leu Lys Asp Ser Asn Asn
735                 740                 745                 750

aga gaa tta caa cgt gta act act gat caa tct gga cat tat caa ttt        2304
Arg Glu Leu Gln Arg Val Thr Thr Asp Gln Ser Gly His Tyr Gln Phe
            755                 760                 765
```

```
gat aat tta caa aat gga acg tac aca gtc gag ttt gcg att cct gat         2352
Asp Asn Leu Gln Asn Gly Thr Tyr Thr Val Glu Phe Ala Ile Pro Asp
            770             775             780

aat tat acg cca tct ccc gca aat aat tct aca aat gat gca ata gat         2400
Asn Tyr Thr Pro Ser Pro Ala Asn Asn Ser Thr Asn Asp Ala Ile Asp
            785             790             795

tca gat ggt gaa cgt gat ggt aca cgt aaa gta gtt gtt gcc aaa gga         2448
Ser Asp Gly Glu Arg Asp Gly Thr Arg Lys Val Val Val Ala Lys Gly
            800             805             810

aca att aat aat gct gat aat atg act gta gat act ggc ttt tat tta         2496
Thr Ile Asn Asn Ala Asp Asn Met Thr Val Asp Thr Gly Phe Tyr Leu
815             820             825             830

act cct aaa tac aat gtc gga gat tat gta tgg gaa gat aca aat aaa         2544
Thr Pro Lys Tyr Asn Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn Lys
            835             840             845

gat ggt atc caa gat gac aat gaa aaa gga att tct ggt gtt aaa gta         2592
Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val Lys Val
            850             855             860

acg tta aaa aat aaa aat gga gat act att ggc aca acg aca aca gat         2640
Thr Leu Lys Asn Lys Asn Gly Asp Thr Ile Gly Thr Thr Thr Thr Asp
            865             870             875

tca aat ggt aaa tat gaa ttc aca ggt tta gag aac ggg gat tac aca         2688
Ser Asn Gly Lys Tyr Glu Phe Thr Gly Leu Glu Asn Gly Asp Tyr Thr
            880             885             890

ata gaa ttt gag acg ccg gaa ggc tac aca ccg act aaa caa aac tcg         2736
Ile Glu Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr Pro Thr Lys Gln Asn Ser
895             900             905             910

gga agt gac gaa ggt aaa gat tca aac ggt acg aaa aca aca gtc aca         2784
Gly Ser Asp Glu Gly Lys Asp Ser Asn Gly Thr Lys Thr Thr Val Thr
            915             920             925

gtc aaa gat gca gat aat aaa aca ata gac tca ggt ttc tac aag cca         2832
Val Lys Asp Ala Asp Asn Lys Thr Ile Asp Ser Gly Phe Tyr Lys Pro
            930             935             940

aca tat aac tta ggt gac tat gta tgg gaa gat aca aat aaa gat ggt         2880
Thr Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn Lys Asp Gly
            945             950             955

att caa gac gac agt gaa aaa ggg att tct ggg gtt aaa gtg acg tta         2928
Ile Gln Asp Asp Ser Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val Lys Val Thr Leu
            960             965             970

aaa gat aaa aat gga aat gcc att ggg aca acg aca aca gac gca agt         2976
Lys Asp Lys Asn Gly Asn Ala Ile Gly Thr Thr Thr Thr Asp Ala Ser
975             980             985             990
```

```
ggt cat tat caa ttt aaa gga tta gaa aat   gga agc tac aca gtt   gag     3024
Gly His Tyr Gln Phe Lys Gly Leu Glu Asn   Gly Ser Tyr Thr Val   Glu
                995                 1000                  1005


ttt gag aca cca  tca ggt tat aca ccg  aca aaa gcg aat tca   ggt         3069
Phe Glu Thr Pro  Ser Gly Tyr Thr Pro  Thr Lys Ala Asn Ser   Gly
            1010                 1015                  1020


caa gat ata act  gta gat tcc aac ggt  ata aca aca aca ggt   atc         3114
Gln Asp Ile Thr  Val Asp Ser Asn Gly  Ile Thr Thr Thr Gly   Ile
            1025                 1030                  1035


att aac gga gct  gat aat ctc aca att  gat agt ggt ttc tac   aaa         3159
Ile Asn Gly Ala  Asp Asn Leu Thr Ile  Asp Ser Gly Phe Tyr   Lys
            1040                 1045                  1050


aca cca aaa tat  agt gtc gga gat tat  gta tgg gaa gat aca   aat         3204
Thr Pro Lys Tyr  Ser Val Gly Asp Tyr  Val Trp Glu Asp Thr   Asn
            1055                 1060                  1065


aaa gat ggt atc  caa gat gac aat gaa  aag gga att tct ggt   gtt         3249
Lys Asp Gly Ile  Gln Asp Asp Asn Glu  Lys Gly Ile Ser Gly   Val
            1070                 1075                  1080


aaa gta acg tta  aag gat gaa aaa gga  aat ata att agc act   aca         3294
Lys Val Thr Leu  Lys Asp Glu Lys Gly  Asn Ile Ile Ser Thr   Thr
            1085                 1090                  1095


aca act gat gaa  aat ggg aag tat caa  ttt gat aat tta gat   agt         3339
Thr Thr Asp Glu  Asn Gly Lys Tyr Gln  Phe Asp Asn Leu Asp   Ser
            1100                 1105                  1110


ggt aat tac att  att cat ttt gag aaa  ccg gaa ggc atg act   caa         3384
Gly Asn Tyr Ile  Ile His Phe Glu Lys  Pro Glu Gly Met Thr   Gln
            1115                 1120                  1125


act aca gca aat  tct gga aat gat gat  gaa aaa gat gct gat   ggg         3429
Thr Thr Ala Asn  Ser Gly Asn Asp Asp  Glu Lys Asp Ala Asp   Gly
            1130                 1135                  1140


gaa gat gtt cgt  gtt acg att act gat  cat gat gac ttt agt   ata         3474
Glu Asp Val Arg  Val Thr Ile Thr Asp  His Asp Asp Phe Ser   Ile
            1145                 1150                  1155


gat aat ggt tat  ttt gac gat gat tca  gac agt gac tca gac   gca         3519
Asp Asn Gly Tyr  Phe Asp Asp Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp   Ala
            1160                 1165                  1170


gat agt gat tca  gac tca gac agt gac  tcg gac gca gac agc   gat         3564
Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ala Asp Ser   Asp
            1175                 1180                  1185


tct gac gca gac  agt gac tca gac gca  gat agt gat tct gac   tca         3609
Ser Asp Ala Asp  Ser Asp Ser Asp Ala  Asp Ser Asp Ser Asp   Ser
            1190                 1195                  1200


gac agc gac tca  gac gca gat agt gat  tcc gat tca gac agc   gac         3654
```

Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
         1205   1210   1215

tcg gat tca gat agt gat tcg gat gca gac agc gac tcg gat tct   3699
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser
         1220   1225   1230

gac agt gat tct gac gca gac agt gac tca gat tca gac agt gac   3744
Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
         1235   1240   1245

tcg gat tca gac agc gat tcg gat tcc gat tca gac agt gac tcg   3789
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
         1250   1255   1260

gat tca gac agt gac tca gac tcc gac agt gat tcc gat tca gat   3834
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
         1265   1270   1275

agc gac tcc gac gca gat agt gat tcg gac gca gac agt gac tca   3879
Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser
         1280   1285   1290

gat tca gac agt gat tcg gac gca gac agt gac tcg gac tca gat   3924
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
         1295   1300   1305

agt gat tca gat gca gac agc gat tca gac tca gat agc gac tcg   3969
Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
         1310   1315   1320

gat tca gac agc gac tcc gac gca gac agc gac tcg gat tca gat   4014
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
         1325   1330   1335

agt gat tct gac tca gac agt gac tca gat tcc gat agt gat tcg   4059
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
         1340   1345   1350

gat tca gat agt gat tcc gac gca gac agc gat tcg gat tcc gat   4104
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
         1355   1360   1365

agc gat tca gac tca gac agc gat tca gat tca gac agc gac tca   4149
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
         1370   1375   1380

gat tca gat agt gat tcc gac gca gac agc gat gca gac agc gac   4194
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp
         1385   1390   1395

tca gac gca gac agt gat tca gat gca gac agc gat tct gac tca   4239
Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser
         1400   1405   1410

gat agt gac tca gac gca gat agt gat tcc gat tcc gat agc gat   4284
Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp

```
            1415                    1420                    1425

tca gat tct gat   agt gac tca gac tca   gac agt gac tca gat   tcc          4329
Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser
              1430                    1435                    1440


gat agc gac tcg   gat tca gat agt gat   tcc gac gca gac agt   gac          4374
Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ala Asp Ser   Asp
              1445                    1450                    1455


tca gac tca gat   agt gac tcg gat tcc   gat agt gat tcc gac   gca          4419
Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ala
              1460                    1465                    1470


gac agc gat tct   gac tca gat agt gac   tca gac gca gat agt   gat          4464
Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ala Asp Ser   Asp
              1475                    1480                    1485


tcc gat tcc gat   agc gat tcg gat gca   gac agc gac tcg gat   tca          4509
Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ala   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser
              1490                    1495                    1500


gat agt gat tcc   gac gca gac agt gac   tca gac tca gat agt   gac          4554
Asp Ser Asp Ser   Asp Ala Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp
              1505                    1510                    1515


tcg gat tcc gat   agt gat tcc gac gca   gac agc gat tcg gat   tcc          4599
Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ala   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser
              1520                    1525                    1530


gat agc gat tca   gac tcc gac agc gat   tca gat tca gac agc   gac          4644
Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp
              1535                    1540                    1545


tca gat tcc gat   agt gat tcc gat tca   gac agt gac tcg gat   tcc          4689
Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser
              1550                    1555                    1560


gat agt gac tca   gac tca gac agt gac   tca gat tca gat agc   gac          4734
Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp
              1565                    1570                    1575


tca gat tca gac   agt gat tcg gac tca   gat agt gac tcc gat   tca          4779
Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser
              1580                    1585                    1590


gac agt gat tcg   gat tcc gat agc gat   tcg gat tcc gat agt   gac          4824
Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp
              1595                    1600                    1605


tcg gat tca gac   agt gat tcg gac tca   gac agc gac tcc gat   tca          4869
Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser
              1610                    1615                    1620


gat agt gat tcc   gac tca gac agc gat   tcg gat tcc gat agt   gac          4914
Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp
              1625                    1630                    1635
```

```
tcg gat tca gac  agt gat tcg gac tca  gac agc gac tcc gat  tca       4959
Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser
            1640                1645                1650

gat agt gat tcc  gac gca gac agc gac  tcc gat tca gat agt  gat       5004
Asp Ser Asp Ser  Asp Ala Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp
            1655                1660                1665

tcg gac gca gac  agc gat tcc gat agt  gac tcg gat tca gac  agt       5049
Ser Asp Ala Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser
            1670                1675                1680

gat tcg gac tca  gac agc gat tcc gat  tca gac agt gac tcg  gac       5094
Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp
            1685                1690                1695

tca gat agc gac  tcg gat tca gac agt  gac tcg gac tca gat  agt       5139
Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser
            1700                1705                1710

gac tcc gat tca  gac agc gac tcg gat  tct gat aaa aat gca  aaa       5184
Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Lys Asn Ala  Lys
            1715                1720                1725

gat aaa tta cct  gat aca gga gca aat  gaa gat cat gat tct  aaa       5229
Asp Lys Leu Pro  Asp Thr Gly Ala Asn  Glu Asp His Asp Ser  Lys
            1730                1735                1740

ggc aca tta ctt  gga act tta ttt gca  ggt tta gga gca tta  tta       5274
Gly Thr Leu Leu  Gly Thr Leu Phe Ala  Gly Leu Gly Ala Leu  Leu
            1745                1750                1755

tta gga aga cgt  cgt aaa aaa gat aat  aaa gaa aaa tag cac tat       5319
Leu Gly Arg Arg  Arg Lys Lys Asp Asn  Lys Glu Lys     His Tyr
            1760                1765                    1770

tga ttc att cat aag tta  ttt caa gcc agg tct  ata tgg cct ggt       5364
    Phe Ile His Lys Leu  Phe Gln Ala Arg Ser  Ile Trp Pro Gly
                1775                1780

ttg  aaa tca tat taa att gaa  agg aga aaa aga tga gta  tgg       5406
Leu  Lys Ser Tyr     Ile Glu  Arg Arg Lys Arg     Val  Trp
1785                 1790                1795


<210>   2
<211>   11
<212>   PRT
<213>   Staphylococcus epidermidis

<400>   2

Tyr Trp Ile Asn Tyr Ala Tyr Lys Val Phe Thr
1               5                   10
```

<210> 3
<211> 15
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 3

Lys Cys Lys Cys Asn Leu Gln Val Asn Ile Gln Ile Ile Ser Leu
1   5   10   15

<210> 4
<211> 1742
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 4

Asn Ile Tyr Phe Asn Trp Arg Tyr Ser Met Lys Lys Arg Arg Gln Gly
1   5   10   15

Pro Ile Asn Lys Arg Val Asp Phe Leu Ser Asn Lys Val Asn Lys Tyr
            20   25   30

Ser Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile Leu Val Gly Ala
            35   40   45

Thr Leu Met Phe Gly Ala Ala Asp Asn Glu Ala Lys Ala Ala Glu Asp
        50   55   60

Asn Gln Leu Glu Ser Ala Ser Lys Glu Glu Gln Lys Gly Ser Arg Asp
65   70   75   80

Asn Glu Asn Ser Lys Leu Asn Gln Val Asp Leu Asp Asn Gly Ser His
                85   90   95

Ser Ser Glu Lys Thr Thr Asn Val Asn Asn Ala Thr Glu Val Lys Lys
            100   105   110

Val Glu Ala Pro Thr Thr Ser Asp Val Ser Lys Pro Lys Ala Asn Glu
            115   120   125

Ala Val Val Thr Asn Glu Ser Thr Lys Pro Lys Thr Thr Glu Ala Pro
        130   135   140

Thr Val Asn Glu Glu Ser Ile Ala Glu Thr Pro Lys Thr Ser Thr Thr
145   150   155   160

Gln Gln Asp Ser Thr Glu Lys Asn Asn Pro Ser Leu Lys Asp Asn Leu
                165   170   175

Asn Ser Ser Ser Thr Thr Ser Lys Glu Ser Lys Thr Asp Glu His Ser
            180   185   190

Thr Lys Gln Ala Gln Met Ser Thr Asn Lys Ser Asn Leu Asp Thr Asn
            195   200   205

```
Asp Ser Pro Thr Gln Ser Glu Lys Thr Ser Ser Gln Ala Asn Asn Asp
    210                 215             220

Ser Thr Asp Asn Gln Ser Ala Pro Ser Lys Gln Leu Asp Ser Lys Pro
225             230             235                         240

Ser Glu Gln Lys Val Tyr Lys Thr Lys Phe Asn Asp Glu Pro Thr Gln
                245             250                 255

Asp Val Glu His Thr Thr Thr Lys Leu Lys Thr Pro Ser Val Ser Thr
                260             265             270

Asp Ser Ser Val Asn Asp Lys Gln Asp Tyr Thr Arg Ser Ala Val Ala
        275             280                 285

Ser Leu Gly Val Asp Ser Asn Glu Thr Glu Ala Ile Thr Asn Ala Val
        290             295             300

Arg Asp Asn Leu Asp Leu Lys Ala Ala Ser Arg Glu Gln Ile Asn Glu
305             310             315                         320

Ala Ile Ile Ala Glu Ala Leu Lys Lys Asp Phe Ser Asn Pro Asp Tyr
                325             330                 335

Gly Val Asp Thr Pro Leu Ala Leu Asn Arg Ser Gln Ser Lys Asn Ser
                340             345             350

Pro His Lys Ser Ala Ser Pro Arg Met Asn Leu Met Ser Leu Ala Ala
        355             360             365

Glu Pro Asn Ser Gly Lys Asn Val Asn Asp Lys Val Lys Ile Thr Asn
    370             375             380

Pro Thr Leu Ser Leu Asn Lys Ser Asn Asn His Ala Asn Asn Val Ile
385             390             395                         400

Trp Pro Thr Ser Asn Glu Gln Phe Asn Leu Lys Ala Asn Tyr Glu Leu
                405             410                 415

Asp Asp Ser Ile Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Ile Lys Tyr Gly Gln
            420             425                 430

Tyr Ile Arg Pro Gly Gly Leu Glu Leu Pro Ala Ile Lys Thr Gln Leu
        435             440                 445

Arg Ser Lys Asp Gly Ser Ile Val Ala Asn Gly Val Tyr Asp Lys Thr
    450             455             460

Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val Asp Gln Tyr Gln
465             470             475                         480

Asn Ile Thr Gly Ser Phe Asp Leu Ile Ala Thr Pro Lys Arg Glu Thr
            485             490                 495

Ala Ile Lys Asp Asn Gln Asn Tyr Pro Met Glu Val Thr Ile Ala Asn
        500             505             510
```

Glu Val Val Lys Lys Asp Phe Ile Val Asp Tyr Gly Asn Lys Lys Asp
        515   520   525

Asn Thr Thr Thr Ala Ala Val Ala Asn Val Asp Asn Val Asn Asn Lys
        530   535   540

His Asn Glu Val Val Tyr Leu Asn Gln Asn Asn Gln Asn Pro Lys Tyr
545   550   555   560

Ala Lys Tyr Phe Ser Thr Val Lys Asn Gly Glu Phe Ile Pro Gly Glu
                565   570   575

Val Lys Val Tyr Glu Val Thr Asp Thr Asn Ala Met Val Asp Ser Phe
                580   585   590

Asn Pro Asp Leu Asn Ser Ser Asn Val Lys Asp Val Thr Ser Gln Phe
        595   600   605

Ala Pro Lys Val Ser Ala Asp Gly Thr Arg Val Asp Ile Asn Phe Ala
        610   615   620

Arg Ser Met Ala Asn Gly Lys Lys Tyr Ile Val Thr Gln Ala Val Arg
625   630   635   640

Pro Thr Gly Thr Gly Asn Val Tyr Thr Glu Tyr Trp Leu Thr Arg Asp
                645   650   655

Gly Thr Thr Asn Thr Asn Asp Phe Tyr Arg Gly Thr Lys Ser Thr Thr
                660   665   670

Val Thr Tyr Leu Asn Gly Ser Ser Thr Ala Gln Gly Asp Asn Pro Thr
                675   680   685

Tyr Ser Leu Gly Asp Tyr Val Trp Leu Asp Lys Asn Lys Asn Gly Val
        690   695   700

Gln Asp Asp Asp Glu Lys Gly Leu Ala Gly Val Tyr Val Thr Leu Lys
705   710   715   720

Asp Ser Asn Asn Arg Glu Leu Gln Arg Val Thr Thr Asp Gln Ser Gly
                725   730   735

His Tyr Gln Phe Asp Asn Leu Gln Asn Gly Thr Tyr Thr Val Glu Phe
        740   745   750

Ala Ile Pro Asp Asn Tyr Thr Pro Ser Pro Ala Asn Asn Ser Thr Asn
        755   760   765

Asp Ala Ile Asp Ser Asp Gly Glu Arg Asp Gly Thr Arg Lys Val Val
        770   775   780

Val Ala Lys Gly Thr Ile Asn Asn Ala Asp Asn Met Thr Val Asp Thr
785   790   795   800

Gly Phe Tyr Leu Thr Pro Lys Tyr Asn Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu
                805   810   815

```
Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser
        820                 825                 830

Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asn Lys Asn Gly Asp Thr Ile Gly Thr
        835                 840                 845

Thr Thr Thr Asp Ser Asn Gly Lys Tyr Glu Phe Thr Gly Leu Glu Asn
    850                 855                 860

Gly Asp Tyr Thr Ile Glu Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr Pro Thr
865                 870                 875                 880

Lys Gln Asn Ser Gly Ser Asp Glu Gly Lys Asp Ser Asn Gly Thr Lys
                885                 890                 895

Thr Thr Val Thr Val Lys Asp Ala Asp Asn Lys Thr Ile Asp Ser Gly
        900                 905                 910

Phe Tyr Lys Pro Thr Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr
        915                 920                 925

Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Ser Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val
    930                 935                 940

Lys Val Thr Leu Lys Asp Lys Asn Gly Asn Ala Ile Gly Thr Thr Thr
945                 950                 955                 960

Thr Asp Ala Ser Gly His Tyr Gln Phe Lys Gly Leu Glu Asn Gly Ser
                965                 970                 975

Tyr Thr Val Glu Phe Glu Thr Pro Ser Gly Tyr Thr Pro Thr Lys Ala
        980                 985                 990

Asn Ser Gly Gln Asp Ile Thr Val  Asp Ser Asn Gly Ile  Thr Thr Thr
    995                 1000                1005

Gly Ile  Ile Asn Gly Ala Asp  Asn Leu Thr Ile Asp  Ser Gly Phe
    1010                1015                1020

Tyr Lys  Thr Pro Lys Tyr Ser  Val Gly Asp Tyr Val  Trp Glu Asp
    1025                1030                1035

Thr Asn  Lys Asp Gly Ile Gln  Asp Asp Asn Glu Lys  Gly Ile Ser
    1040                1045                1050

Gly Val  Lys Val Thr Leu Lys  Asp Glu Lys Gly Asn  Ile Ile Ser
    1055                1060                1065

Thr Thr  Thr Thr Asp Glu Asn  Gly Lys Tyr Gln Phe  Asp Asn Leu
    1070                1075                1080

Asp Ser  Gly Asn Tyr Ile Ile  His Phe Glu Lys Pro  Glu Gly Met
    1085                1090                1095

Thr Gln  Thr Thr Ala Asn Ser  Gly Asn Asp Asp Glu  Lys Asp Ala
    1100                1105                1110
```

```
Asp Gly  Glu Asp Val Arg Val  Thr Ile Thr Asp His  Asp Asp Phe
    1115             1120             1125

Ser Ile  Asp Asn Gly Tyr Phe  Asp Asp Asp Ser Asp  Ser Asp Ser
    1130             1135             1140

Asp Ala  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ala Asp
    1145             1150             1155

Ser Asp  Ser Asp Ala Asp Ser  Asp Ser Asp Ala Asp  Ser Asp Ser
    1160             1165             1170

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ala Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp
    1175             1180             1185

Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ala Asp  Ser Asp Ser
    1190             1195             1200

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ala Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp
    1205             1210             1215

Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser
    1220             1225             1230

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp
    1235             1240             1245

Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ala  Asp Ser Asp Ser Asp  Ala Asp Ser
    1250             1255             1260

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ala Asp Ser  Asp Ser Asp
    1265             1270             1275

Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ala  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser
    1280             1285             1290

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ala Asp Ser  Asp Ser Asp
    1295             1300             1305

Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser
    1310             1315             1320

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ala Asp Ser  Asp Ser Asp
    1325             1330             1335

Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser
    1340             1345             1350

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ala Asp Ser  Asp Ala Asp
    1355             1360             1365

Ser Asp  Ser Asp Ala Asp Ser  Asp Ser Asp Ala Asp  Ser Asp Ser
    1370             1375             1380

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ala Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp
    1385             1390             1395
```

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
    1400   1405   1410

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ala Asp
    1415   1420   1425

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
    1430   1435   1440

Asp Ala   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ala Asp
    1445   1450   1455

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ala Asp   Ser Asp Ser
    1460   1465   1470

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ala Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp
    1475   1480   1485

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ala Asp   Ser Asp Ser
    1490   1495   1500

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp
    1505   1510   1515

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
    1520   1525   1530

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp
    1535   1540   1545

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
    1550   1555   1560

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp
    1565   1570   1575

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
    1580   1585   1590

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp
    1595   1600   1605

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
    1610   1615   1620

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ala Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp
    1625   1630   1635

Ser Asp   Ser Asp Ala Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
    1640   1645   1650

Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp
    1655   1660   1665

Ser Asp   Ser Asp Ser Asp Ser   Asp Ser Asp Ser Asp   Ser Asp Ser
    1670   1675   1680

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Lys Asn
    1685   1690   1695

Ala Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp
    1700   1705   1710

Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala
    1715   1720   1725

Leu Leu Leu Gly Arg Arg Arg Lys Lys Asp Asn Lys Glu Lys
    1730   1735   1740

<210> 5
<211> 18
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 5

Phe Ile His Lys Leu Phe Gln Ala Arg Ser Ile Trp Pro Gly Leu Lys
1   5   10   15

Ser Tyr

<210> 6
<211> 6
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 6

Ile Glu Arg Arg Lys Arg
1   5

<210> 7
<211> 2976
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> CDS
<222> (3)..(2975)
<223>

<400> 7
at att gca aaa aag act tat ata cta tat tgt att tta ctc tag aaa   47
    Ile Ala Lys Lys Thr Tyr Ile Leu Tyr Cys Ile Leu Leu   Lys
    1   5   10

cga ttt tta ctt gaa aat tac att gaa ata gtc aaa gat aag gag ttt   95
Arg Phe Leu Leu Glu Asn Tyr Ile Glu Ile Val Lys Asp Lys Glu Phe
15   20   25   30

tta tga tta aaa aaa aat aat tta cta act aaa aag aaa cct ata gca   143

```
Leu       Leu Lys Lys Asn Asn Leu Leu Thr Lys Lys Lys Pro Ile Ala
                      35              40              45


aat aaa tcc aat aaa tat gca att aga aaa ttc aca gta ggt aca gcg       191
Asn Lys Ser Asn Lys Tyr Ala Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala
                50              55              60


tct att gta ata ggt gca gca tta ttg ttt ggt tta ggt cat aat gag       239
Ser Ile Val Ile Gly Ala Ala Leu Leu Phe Gly Leu Gly His Asn Glu
                65              70              75


gcc aaa gct gag gag aat aca gta caa gac gtt aaa gat tcg aat atg       287
Ala Lys Ala Glu Glu Asn Thr Val Gln Asp Val Lys Asp Ser Asn Met
            80              85              90


gat gat gaa tta tca gat agc aat gat cag tcc agt aat gaa gaa aag       335
Asp Asp Glu Leu Ser Asp Ser Asn Asp Gln Ser Ser Asn Glu Glu Lys
        95              100             105


aat gat gta atc aat aat agt cag tca ata aac acc gat gat gat aac       383
Asn Asp Val Ile Asn Asn Ser Gln Ser Ile Asn Thr Asp Asp Asp Asn
110             115             120             125


caa ata aaa aaa gaa gaa acg aat agc aac gat gcc ata gaa aat cgc       431
Gln Ile Lys Lys Glu Glu Thr Asn Ser Asn Asp Ala Ile Glu Asn Arg
                130             135             140


tct aaa gat ata aca cag tca aca aca aat gta gat gaa aac gaa gca       479
Ser Lys Asp Ile Thr Gln Ser Thr Thr Asn Val Asp Glu Asn Glu Ala
            145             150             155


aca ttt tta caa aag acc cct caa gat aat act cag ctt aaa gaa gaa       527
Thr Phe Leu Gln Lys Thr Pro Gln Asp Asn Thr Gln Leu Lys Glu Glu
            160             165             170


gtg gta aaa gaa ccc tca tca gtc gaa tcc tca aat tca tca atg gat       575
Val Val Lys Glu Pro Ser Ser Val Glu Ser Ser Asn Ser Ser Met Asp
        175             180             185


act gcc caa caa cca tct cat aca aca ata aat agt gaa gca tct att       623
Thr Ala Gln Gln Pro Ser His Thr Thr Ile Asn Ser Glu Ala Ser Ile
190             195             200             205


caa aca agt gat aat gaa gaa aat tcc cgc gta tca gat ttt gct aac       671
Gln Thr Ser Asp Asn Glu Glu Asn Ser Arg Val Ser Asp Phe Ala Asn
            210             215             220


tct aaa ata ata gag agt aac act gaa tcc aat aaa gaa gag aat act       719
Ser Lys Ile Ile Glu Ser Asn Thr Glu Ser Asn Lys Glu Glu Asn Thr
            225             230             235


ata gag caa cct aac aaa gta aga gaa gat tca ata aca agt caa ccg       767
Ile Glu Gln Pro Asn Lys Val Arg Glu Asp Ser Ile Thr Ser Gln Pro
            240             245             250


tct agc tat aaa aat ata gat gaa aaa att tca aat caa gat gag tta       815
Ser Ser Tyr Lys Asn Ile Asp Glu Lys Ile Ser Asn Gln Asp Glu Leu
```

```
tta aat tta cca ata aat gaa tat gaa aat aag gtt aga ccg tta tct        863
Leu Asn Leu Pro Ile Asn Glu Tyr Glu Asn Lys Val Arg Pro Leu Ser
270                 275                 280                 285

aca aca tct gcc caa cca tcg agt aag cgt gta acc gta aat caa tta        911
Thr Thr Ser Ala Gln Pro Ser Ser Lys Arg Val Thr Val Asn Gln Leu
                290                 295                 300

gcg gca gaa caa ggt tcg aat gtt aat cat tta att aaa gtt act gat        959
Ala Ala Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr Asp
                305                 310                 315

caa agt att act gaa gga tat gat gat agt gat ggt att att aaa gca       1007
Gln Ser Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Asp Gly Ile Ile Lys Ala
            320                 325                 330

cat gat gct gaa aac tta atc tat gat gta act ttt gaa gta gat gat       1055
His Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp Asp
            335                 340                 345

aag gtg aaa tct ggt gat acg atg aca gtg aat ata gat aag aat aca       1103
Lys Val Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asn Ile Asp Lys Asn Thr
350                 355                 360                 365

gtt cca tca gat tta acc gat agt ttt gca ata cca aaa ata aaa gat       1151
Val Pro Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Ala Ile Pro Lys Ile Lys Asp
                370                 375                 380

aat tct gga gaa atc atc gct aca ggt act tat gac aac aca aat aaa       1199
Asn Ser Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Thr Asn Lys
                385                 390                 395

caa att acc tac act ttt aca gat tat gta gat aaa tat gaa aat att       1247
Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asn Ile
            400                 405                 410

aaa gcg cac ctt aaa tta aca tca tac att gat aaa tca aag gtt cca       1295
Lys Ala His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile Asp Lys Ser Lys Val Pro
            415                 420                 425

aat aat aac act aag tta gat gta gaa tat aag acg gcc ctt tca tca       1343
Asn Asn Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr Lys Thr Ala Leu Ser Ser
430                 435                 440                 445

gta aat aaa aca att acg gtt gaa tat caa aaa cct aac gaa aat cgg       1391
Val Asn Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln Lys Pro Asn Glu Asn Arg
                450                 455                 460

act gct aac ctt caa agt atg ttc aca aac ata gat acg aaa aac cat       1439
Thr Ala Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn His
                465                 470                 475

aca gtt gag caa acg att tat att aac cct ctt cgt tat tca gcc aaa       1487
Thr Val Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala Lys
                480                 485                 490
```

```
gaa aca aat gta aat att tca ggg aat ggc gat gaa ggt tca aca att        1535
Glu Thr Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr Ile
    495                 500                 505

atc gac gat agt aca atc att aaa gtt tat aag gtt gga gat aat caa        1583
Ile Asp Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr Lys Val Gly Asp Asn Gln
510                 515                 520                 525

aat tta cca gat agt aac aga att tat gat tac agt gaa tat gaa gat        1631
Asn Leu Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp
                530                 535                 540

gtc aca aat gat gat tat gcc caa tta gga aat aat aat gac gtg aat        1679
Val Thr Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly Asn Asn Asn Asp Val Asn
                545                 550                 555

att aat ttt ggt aat ata gat tca cca tat att att aaa gtt att agt        1727
Ile Asn Phe Gly Asn Ile Asp Ser Pro Tyr Ile Ile Lys Val Ile Ser
            560                 565                 570

aaa tat gac cct aat aag gac gat tac acg acg ata cag caa act gtg        1775
Lys Tyr Asp Pro Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Thr Ile Gln Gln Thr Val
    575                 580                 585

aca atg caa acg act ata aat gag tat act ggt gag ttt aga aca gca        1823
Thr Met Gln Thr Thr Ile Asn Glu Tyr Thr Gly Glu Phe Arg Thr Ala
590                 595                 600                 605

tcc tat gat aat aca att gct ttc tct aca agt tca ggt caa gga caa        1871
Ser Tyr Asp Asn Thr Ile Ala Phe Ser Thr Ser Ser Gly Gln Gly Gln
                610                 615                 620

ggt gac ttg cct cct gaa aaa act tat aaa atc gga gat tac gta tgg        1919
Gly Asp Leu Pro Pro Glu Lys Thr Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr Val Trp
            625                 630                 635

gaa gat gta gat aaa gat ggt att caa aat aca aat gat aat gaa aaa        1967
Glu Asp Val Asp Lys Asp Gly Ile Gln Asn Thr Asn Asp Asn Glu Lys
            640                 645                 650

ccg ctt agt aat gta ttg gta act ttg acg tat cct gat gga act tca        2015
Pro Leu Ser Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly Thr Ser
    655                 660                 665

aaa tca gtc aga aca gat gaa gag ggg aaa tat caa ttt gat ggg tta        2063
Lys Ser Val Arg Thr Asp Glu Glu Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Gly Leu
670                 675                 680                 685

aaa aac gga ttg act tat aaa att aca ttc gaa aca ccg gaa gga tat        2111
Lys Asn Gly Leu Thr Tyr Lys Ile Thr Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr
            690                 695                 700

acg ccg acg ctt aaa cat tca gga aca aat cct gca cta gac tca gaa        2159
Thr Pro Thr Leu Lys His Ser Gly Thr Asn Pro Ala Leu Asp Ser Glu
    705                 710                 715
```

```
ggc aat tct gta tgg gta act att aac gga caa gac gat atg act att          2207
Gly Asn Ser Val Trp Val Thr Ile Asn Gly Gln Asp Asp Met Thr Ile
        720             725             730

gat agc gga ttt tat caa aca cct aaa tat agc tta ggg aac tat gta          2255
Asp Ser Gly Phe Tyr Gln Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asn Tyr Val
        735             740             745

tgg tat gac act aat aaa gat ggt att caa ggt gat gat gaa aaa gga          2303
Trp Tyr Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys Gly
750             755             760             765

atc tct gga gta aaa gtg acg tta aaa gat gaa aac gga aat atc att          2351
Ile Ser Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile Ile
            770             775             780

agt aca aca aca act gat gaa aat gga aag tat caa ttt gat aat tta          2399
Ser Thr Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu
        785             790             795

aat agt ggt aat tat att gtt cat ttt gat aaa cct tca ggt atg act          2447
Asn Ser Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met Thr
        800             805             810

caa aca aca aca gat tct ggt gat gat gac gaa cag gat gct gat ggg          2495
Gln Thr Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp Gly
        815             820             825

gaa gaa gtc cat gta aca att act gat cat gat gac ttt agt ata gat          2543
Glu Glu Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile Asp
830             835             840             845

aac gga tac tat gat gac gac tca gat tca gat agt gat tca gac tca          2591
Asn Gly Tyr Tyr Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            850             855             860

gat agc gac gac tca gac tcc gat agc gat tcc gac tca gac agc gac          2639
Asp Ser Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
            865             870             875

tca gat tcc gat agt gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gat          2687
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
            880             885             890

agt gat tca gat tca gac agc gat tcc gac tca gac agt gac tca gga          2735
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Gly
        895             900             905

tta gac aat agc tca gat aag aat aca aaa gat aaa tta ccg gat aca          2783
Leu Asp Asn Ser Ser Asp Lys Asn Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr
910             915             920             925

gga gct aat gaa gat cat gat tct aaa ggc aca tta ctt gga gct tta          2831
Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu
            930             935             940

ttt gca ggt tta gga gcg tta tta tta ggg aag cgt cgc aaa aat aga          2879
```

Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg
        945   950   955

aaa aat aaa aat taa att att caa atg aaa tta gtg aaa gaa gca gat   2927
Lys Asn Lys Asn   Ile Ile Gln Met Lys Leu Val Lys Glu Ala Asp
        960   965   970

acg aca ttt gaa tag aaa gta tat tta gtc caa caa ata taa ggt gtt g   2976
Thr Thr Phe Glu   Lys Val Tyr Leu Val Gln Gln Ile   Gly Val
        975   980   985

<210> 8
<211> 13
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 8

Ile Ala Lys Lys Thr Tyr Ile Leu Tyr Cys Ile Leu Leu
1   5   10

<210> 9
<211> 18
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 9

Lys Arg Phe Leu Leu Glu Asn Tyr Ile Glu Ile Val Lys Asp Lys Glu
1   5   10   15

Phe Leu

<210> 10
<211> 930
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 10

Leu Lys Lys Asn Asn Leu Leu Thr Lys Lys Lys Pro Ile Ala Asn Lys
1   5   10   15

Ser Asn Lys Tyr Ala Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile
            20   25   30

Val Ile Gly Ala Ala Leu Leu Phe Gly Leu Gly His Asn Glu Ala Lys
            35   40   45

Ala Glu Glu Asn Thr Val Gln Asp Val Lys Asp Ser Asn Met Asp Asp
        50   55   60

Glu Leu Ser Asp Ser Asn Asp Gln Ser Ser Asn Glu Glu Lys Asn Asp
65   70   75   80

Val Ile Asn Asn Ser Gln Ser Ile Asn Thr Asp Asp Asp Asn Gln Ile
                85   90   95

Lys Lys Glu Glu Thr Asn Ser Asn Asp Ala Ile Glu Asn Arg Ser Lys
            100   105   110

Asp Ile Thr Gln Ser Thr Thr Asn Val Asp Glu Asn Glu Ala Thr Phe
            115   120   125

Leu Gln Lys Thr Pro Gln Asp Asn Thr Gln Leu Lys Glu Glu Val Val
        130   135   140

Lys Glu Pro Ser Ser Val Glu Ser Ser Asn Ser Ser Met Asp Thr Ala
145   150   155   160

Gln Gln Pro Ser His Thr Thr Ile Asn Ser Glu Ala Ser Ile Gln Thr
                165   170   175

Ser Asp Asn Glu Glu Asn Ser Arg Val Ser Asp Phe Ala Asn Ser Lys
            180   185   190

Ile Ile Glu Ser Asn Thr Glu Ser Asn Lys Glu Glu Asn Thr Ile Glu
            195   200   205

Gln Pro Asn Lys Val Arg Glu Asp Ser Ile Thr Ser Gln Pro Ser Ser
    210   215   220

Tyr Lys Asn Ile Asp Glu Lys Ile Ser Asn Gln Asp Glu Leu Leu Asn
225   230   235   240

Leu Pro Ile Asn Glu Tyr Glu Asn Lys Val Arg Pro Leu Ser Thr Thr
            245   250   255

Ser Ala Gln Pro Ser Ser Lys Arg Val Thr Val Asn Gln Leu Ala Ala
            260   265   270

Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr Asp Gln Ser
            275   280   285

```
Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Asp Gly Ile Ile Lys Ala His Asp
    290             295             300

Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp Asp Lys Val
305             310             315             320

Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asn Ile Asp Lys Asn Thr Val Pro
            325             330             335

Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Ala Ile Pro Lys Ile Lys Asp Asn Ser
            340             345             350

Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Thr Asn Lys Gln Ile
        355             360             365

Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asn Ile Lys Ala
    370             375             380

His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile Asp Lys Ser Lys Val Pro Asn Asn
385             390             395             400

Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr Lys Thr Ala Leu Ser Ser Val Asn
            405             410             415

Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln Lys Pro Asn Glu Asn Arg Thr Ala
            420             425             430

Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn His Thr Val
            435             440             445

Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala Lys Glu Thr
    450             455             460

Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr Ile Ile Asp
465             470             475             480

Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr Lys Val Gly Asp Asn Gln Asn Leu
            485             490             495

Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr
            500             505             510
```

Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly Asn Asn Asn Asp Val Asn Ile Asn
        515   520   525

Phe Gly Asn Ile Asp Ser Pro Tyr Ile Ile Lys Val Ile Ser Lys Tyr
        530   535   540

Asp Pro Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Thr Ile Gln Gln Thr Val Thr Met
545   550   555   560

Gln Thr Thr Ile Asn Glu Tyr Thr Gly Glu Phe Arg Thr Ala Ser Tyr
                565   570   575

Asp Asn Thr Ile Ala Phe Ser Thr Ser Ser Gly Gln Gly Gln Gly Asp
                580   585   590

Leu Pro Pro Glu Lys Thr Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp
        595   600   605

Val Asp Lys Asp Gly Ile Gln Asn Thr Asn Asp Asn Glu Lys Pro Leu
        610   615   620

Ser Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly Thr Ser Lys Ser
625   630   635   640

Val Arg Thr Asp Glu Glu Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Gly Leu Lys Asn
                645   650   655

Gly Leu Thr Tyr Lys Ile Thr Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr Pro
                660   665   670

Thr Leu Lys His Ser Gly Thr Asn Pro Ala Leu Asp Ser Glu Gly Asn
        675   680   685

Ser Val Trp Val Thr Ile Asn Gly Gln Asp Asp Met Thr Ile Asp Ser
        690   695   700

Gly Phe Tyr Gln Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asn Tyr Val Trp Tyr
705   710   715   720

Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys Gly Ile Ser
                725   730   735

Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile Ile Ser Thr

Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu Asn Ser
        755   760   765

Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met Thr Gln Thr
    770   775   780

Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp Gly Glu Glu
785   790   795   800

Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile Asp Asn Gly
            805   810   815

Tyr Tyr Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
        820   825   830

Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
        835   840   845

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
    850   855   860

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Gly Leu Asp
865   870   875   880

Asn Ser Ser Asp Lys Asn Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala
            885   890   895

Asn Glu Asp His Asp Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu Phe Ala
            900   905   910

Gly Leu Gly Ala Leu Leu Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg Lys Asn
        915   920   925

Lys Asn
    930

<210> 11
<211> 15
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 11

Ile Ile Gln Met Lys Leu Val Lys Glu Ala Asp Thr Thr Phe Glu
1   5   10   15

<210> 12
<211> 8
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 12

Lys Val Tyr Leu Val Gln Gln Ile
1   5

<210> 13
<211> 1464
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1464)
<223>

<400> 13
atg aaa aag ttt aac att aaa cat tca ttt atg ctt acg ggc ttt gct   48
Met Lys Lys Phe Asn Ile Lys His Ser Phe Met Leu Thr Gly Phe Ala
1   5   10   15

ttc atg gta act aca tca tta ttc agt cac caa gca cat gct gaa ggt   96
Phe Met Val Thr Thr Ser Leu Phe Ser His Gln Ala His Ala Glu Gly
                20   25   30

aat cat cct att gac att aat ttt tct aaa gat caa att gat aga aat   144
Asn His Pro Ile Asp Ile Asn Phe Ser Lys Asp Gln Ile Asp Arg Asn
            35   40   45

aca gct aag agc aat att atc aat cga gtg aat gac act agt cgc aca   192
Thr Ala Lys Ser Asn Ile Ile Asn Arg Val Asn Asp Thr Ser Arg Thr
        50   55   60

gga att agt atg aat tcg gat aat gat tta gat aca gat atc gtt tca   240
Gly Ile Ser Met Asn Ser Asp Asn Asp Leu Asp Thr Asp Ile Val Ser
65   70   75   80

aat agt gac tca gaa aat gac aca tat tta gat agt gat tca gat tca   288
Asn Ser Asp Ser Glu Asn Asp Thr Tyr Leu Asp Ser Asp Ser Asp Ser
                85   90   95

gac agt gac tca gat tca gat agt gac tca gat tca gat agt gac tca   336
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            100   105   110

gat tca gat agt gac tca gat tca gac agt gat tca gac tca gat agt   384
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

```
          115                    120                    125

gac tca gat tca gac agt gat tca gac tca gat agt gat tca gat tca        432
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    130                    135                    140

gac agt gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gac agt gat tca        480
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
145                    150                    155                    160

gat tca gat agt gat tca gat tca gat agt gat tca gat tca gat agt        528
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
                   165                    170                    175

gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gac agt gat tca gat tca        576
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
                   180                    185                    190

gat agt gat tca gac tca gat agt gac tca gat tca gat agt gat tca        624
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
               195                    200                    205

gac tct ggt aca agt tca ggt aag ggt tca cat acc gga aaa aaa cct        672
Asp Ser Gly Thr Ser Ser Gly Lys Gly Ser His Thr Gly Lys Lys Pro
    210                    215                    220

ggt aac cct aaa gga aat aca aat aga cct tct caa aga cat acg aat        720
Gly Asn Pro Lys Gly Asn Thr Asn Arg Pro Ser Gln Arg His Thr Asn
225                    230                    235                    240

caa ccc caa agg cct aaa tac aat caa aca aat caa aac aat ata aac        768
Gln Pro Gln Arg Pro Lys Tyr Asn Gln Thr Asn Gln Asn Asn Ile Asn
                   245                    250                    255

aat ata aac cat aat att aat cat aca cgt act agt gga gat ggt gcg        816
Asn Ile Asn His Asn Ile Asn His Thr Arg Thr Ser Gly Asp Gly Ala
               260                    265                    270

cct ttt aaa cgt caa caa aat att att aat tct aat tca ggt cat aga        864
Pro Phe Lys Arg Gln Gln Asn Ile Ile Asn Ser Asn Ser Gly His Arg
    275                    280                    285

aat caa aat aat ata aat caa ttt ata tgg aac aaa aat ggc ttt ttt        912
Asn Gln Asn Asn Ile Asn Gln Phe Ile Trp Asn Lys Asn Gly Phe Phe
    290                    295                    300

aaa tct caa aat aat acc gaa cat aga atg aat agt agc gat aat acc        960
Lys Ser Gln Asn Asn Thr Glu His Arg Met Asn Ser Ser Asp Asn Thr
305                    310                    315                    320

aat tca tta att agc aga ttc aga caa tta gcc acg ggt gct tat aag       1008
Asn Ser Leu Ile Ser Arg Phe Arg Gln Leu Ala Thr Gly Ala Tyr Lys
                   325                    330                    335

tac aat ccg ttt ttg att aat caa gta aaa aat ttg aat caa tta gat       1056
Tyr Asn Pro Phe Leu Ile Asn Gln Val Lys Asn Leu Asn Gln Leu Asp
               340                    345                    350
```

```
gga aag gtg aca gat agt gac att tat agc ttg ttt aga aag caa tca     1104
Gly Lys Val Thr Asp Ser Asp Ile Tyr Ser Leu Phe Arg Lys Gln Ser
        355                 360                 365

ttt aga gga aat gaa tat tta aat tca tta caa aaa ggg aca agc tat     1152
Phe Arg Gly Asn Glu Tyr Leu Asn Ser Leu Gln Lys Gly Thr Ser Tyr
        370                 375                 380

ttc aga ttt caa tat ttt aat cca ctt aat tct agt aaa tac tat gaa     1200
Phe Arg Phe Gln Tyr Phe Asn Pro Leu Asn Ser Ser Lys Tyr Tyr Glu
385                 390                 395                 400

aat tta gat gat cag gtt tta gct tta att aca gga gaa atc ggc tca     1248
Asn Leu Asp Asp Gln Val Leu Ala Leu Ile Thr Gly Glu Ile Gly Ser
                405                 410                 415

atg cca gaa ctt aaa aaa cct acg gat aaa gaa gat aaa aat cat agc     1296
Met Pro Glu Leu Lys Lys Pro Thr Asp Lys Glu Asp Lys Asn His Ser
                420                 425                 430

gcc ttc aaa aac cat agt gca gat gag ata aca aca aat aat gat gga     1344
Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr Thr Asn Asn Asp Gly
        435                 440                 445

cac tcc aaa gat tat gat aag aaa aag aaa ata cat cga agt ctt tta     1392
His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Lys Ile His Arg Ser Leu Leu
        450                 455                 460

tcg tta agt att gca ata att gga att ttt cta gga gtc act gga cta     1440
Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu Gly Val Thr Gly Leu
465                 470                 475                 480

tat atc ttt aga aga aaa aag taa                                     1464
Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
                485


<210>   14
<211>   487
<212>   PRT
<213>   Staphylococcus epidermidis

<400>   14

Met Lys Lys Phe Asn Ile Lys His Ser Phe Met Leu Thr Gly Phe Ala
1               5                   10                  15


Phe Met Val Thr Thr Ser Leu Phe Ser His Gln Ala His Ala Glu Gly
                20                  25                  30


Asn His Pro Ile Asp Ile Asn Phe Ser Lys Asp Gln Ile Asp Arg Asn
            35                  40                  45
```

```
Thr Ala Lys Ser Asn Ile Ile Asn Arg Val Asn Asp Thr Ser Arg Thr
    50                  55                  60

Gly Ile Ser Met Asn Ser Asp Asn Asp Leu Asp Thr Asp Ile Val Ser
65                  70                  75                  80

Asn Ser Asp Ser Glu Asn Asp Thr Tyr Leu Asp Ser Asp Ser Asp Ser
                85                  90                  95

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            100                 105                 110

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            115                 120                 125

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    130                 135                 140

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
145                 150                 155                 160

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            165                 170                 175

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            180                 185                 190

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
        195                 200                 205

Asp Ser Gly Thr Ser Ser Gly Lys Gly Ser His Thr Gly Lys Lys Pro
    210                 215                 220

Gly Asn Pro Lys Gly Asn Thr Asn Arg Pro Ser Gln Arg His Thr Asn
225                 230                 235                 240

Gln Pro Gln Arg Pro Lys Tyr Asn Gln Thr Asn Gln Asn Asn Ile Asn
            245                 250                 255

Asn Ile Asn His Asn Ile Asn His Thr Arg Thr Ser Gly Asp Gly Ala
            260                 265                 270

Pro Phe Lys Arg Gln Gln Asn Ile Ile Asn Ser Asn Ser Gly His Arg
```

Asn Gln Asn Asn Ile Asn Gln Phe Ile Trp Asn Lys Asn Gly Phe Phe
    290   295   300

Lys Ser Gln Asn Asn Thr Glu His Arg Met Asn Ser Ser Asp Asn Thr
305   310   315   320

Asn Ser Leu Ile Ser Arg Phe Arg Gln Leu Ala Thr Gly Ala Tyr Lys
                325   330   335

Tyr Asn Pro Phe Leu Ile Asn Gln Val Lys Asn Leu Asn Gln Leu Asp
            340   345   350

Gly Lys Val Thr Asp Ser Asp Ile Tyr Ser Leu Phe Arg Lys Gln Ser
            355   360   365

Phe Arg Gly Asn Glu Tyr Leu Asn Ser Leu Gln Lys Gly Thr Ser Tyr
    370   375   380

Phe Arg Phe Gln Tyr Phe Asn Pro Leu Asn Ser Ser Lys Tyr Tyr Glu
385   390   395   400

Asn Leu Asp Asp Gln Val Leu Ala Leu Ile Thr Gly Glu Ile Gly Ser
            405   410   415

Met Pro Glu Leu Lys Lys Pro Thr Asp Lys Glu Asp Lys Asn His Ser
            420   425   430

Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr Thr Asn Asn Asp Gly
        435   440   445

His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Ile His Arg Ser Leu Leu
    450   455   460

Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu Gly Val Thr Gly Leu
465   470   475   480

Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
            485

<210>   15
<211>   18

<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> misc_feature
<222> (12)..(12)
<223> n=(a or c or t or g)

<220>
<221> misc_feature
<222> (6)..(6)
<223> n=(a or c or t or g)

<400> 15
gaytcngayt cngayagy   18

<210> 16
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 16

Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp
1   5

<210> 17
<211> 5
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (3)..(3)
<223> Xaa can be any amino acid

<400> 17

Leu Pro Xaa Thr Gly
1   5

<210> 18
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 18

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Lys Asn
1   5   10   15

Ala Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser
            20   25   30

Lys Gly Thr Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu
        35   40   45

Leu Gly Arg Arg Arg Lys Lys Asp Asn Lys Glu Lys
    50   55   60

<210> 19
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 19

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Gly Leu Asp Asn Ser Ser Asp Lys Asn
1   5   10   15

Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser
        20   25   30

Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu
        35   40   45

Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg Lys Asn Lys Asn
    50   55   60

<210> 20
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 20

Asp Lys Asn His Ser Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr
1   5   10   15

Thr Asn Asn Asp Gly His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Lys Ile
        20   25   30

His Arg Ser Leu Leu Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu
        35   40   45

Gly Val Thr Gly Leu Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
    50   55   60

<210> 21
<211> 18
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 21
gatgatgaat tatcagac   18

<210> 22
<211> 19
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 22
caggaggcaa gtcaccttg   19

<210> 23
<211> 27
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 23
gccggatccc caattccaga ggattca   27

<210> 24
<211> 27
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 24
gccaagctta ttgttagaac ctgactc   27

<210> 25
<211> 17
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 25
gattcagata gccattc   17

<210> 26
<211> 17
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 26
ctgagtcact gtctgag   17

<210> 27
<211> 28

```
<212>    DNA
<213>    Staphylococcus epidermidis

<400>    27
cccggatccg ctgaagacaa tcaattag                                           28

<210>    28
<211>    27
<212>    DNA
<213>    Staphylococcus epidermidis

<400>    28
cccaagctta attatccccc tgtgctg                                            27

<210>    29
<211>    31
<212>    DNA
<213>    Staphylococcus epidermidis

<400>    29
cccggatccg aggagaatac agtacaagac g                                       31

<210>    30
<211>    33
<212>    DNA
<213>    Staphylococcus epidermidis

<400>    30
cccggtacct agtttttcag gaggcaagtc acc                                     33

<210>    31
<211>    30
<212>    DNA
<213>    Staphylococcus epidermidis

<400>    31
cccggatccg aaggtaatca tcctattgac                                         30

<210>    32
<211>    37
<212>    DNA
<213>    Staphylococcus epidermidis

<400>    32
cccaagctta cttttttctt ctaaagatat atagtcc                                 37

<210>    33
<211>    30
<212>    DNA
<213>    Staphylococcus epidermidis

<400>    33
cccgaattca attatccccc tgtgctgttg                                         30


<210>    34
<211>    33
```

<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 34
cccgaattct agttttttcag gaggcaagtc acc   33

<210> 35
<211> 28
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 35
ggcggatccg aaggtaatca tcctattg   28

<210> 36
<211> 28
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 36
ggcaagcttc taaatatgtg tcattttc   28

<210> 37
<211> 4
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 37

Gly Gly Ala Gly
1

<210> 38
<211> 13
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 38

Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr Asn Asp Asp Tyr
1   5   10

<210> 39
<211> 5
<212> PRT
<213> Staphylococcus aureus

<400> 39

Leu Pro Asp Thr Gly
1   5

<210> 40
<211> 10
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 40

Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Asn Tyr Val Asp
1   5   10